

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE PONTA GROSSA
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E TECNOLOGIA
DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA

JESSICA VIBLY CAMARGO

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS VIA ssGBLUP PARA
CARACTERÍSTICAS DE ESPESSURA DE GORDURA NA PICANHA E
ACABAMENTO DE CARÇAÇA EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

PONTA GROSSA

2021

JESSICA VIBLY CAMARGO

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS VIA ssGBLUP PARA
CARACTERÍSTICAS DE ESPESSURA DE GORDURA NA PICANHA E
ACABAMENTO DE CARÇAÇA EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

Trabalho de conclusão de curso para obtenção do título de
graduação do curso de Bacharelado de Zootecnia na
Universidade Estadual de Ponta Grossa, Área de Zootecnia

Orientador: Prof^a. Dr^a. Amanda da Lapa Silva

PONTA GROSSA

2021

JESSICA VIBLY CAMARGO

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS VIA ssGBLUP PARA
CARACTERÍSTICAS DE ESPESSURA DE GORDURA NA PIKANHA E
ACABAMENTO DE CARÇAÇA EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado para obtenção do título de graduação
do curso de Bacharelado de Zootecnia, na Universidade Estadual de Ponta Grossa,
Área de Zootecnia

Ponta Grossa, 25 de outubro de 2021

Prof^a. Dr^a. Amanda da Lapa Silva- Orientador

Universidade Estadual de Ponta Grossa

Prof. Dr. Victor Breno Pedrosa

Universidade Estadual de Ponta Grossa

Ms. Pamela Carla Machado

Universidade Estadual de Ponta Grossa

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus por me fortalecer em todos os momentos.

À meus pais Soraya e Mauri, por sempre me apoiarem.

Ao Professor Dr^o Victor Breno Pedrosa, pela orientação, apoio e amizade construída durante toda graduação.

À meus amigos e companheiros do curso de Zootecnia, assim como meus companheiros do laboratório Lema (Laboratório de estudos em Melhoramento Animal).

À Agropecuária Katayama Ltda por disponibilizar os dados para realização do trabalho.

À Fundação Araucária e Universidade Estadual de Ponta Grossa pela oportunidade oferecida.

RESUMO

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS VIA ssGBLUP PARA CARACTERÍSTICAS DE ESPESSURA DE GORDURA NA PICANHA E ACABAMENTO DE CARÇA EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

A estimação de parâmetros genéticos via ssGBLUP permite que sejam utilizadas, simultaneamente, informações de pedigree, dados de desempenho e genótipos, para avaliação mais eficaz das herdabilidades e correlações genéticas de características de interesse zootécnico. Objetivou-se estimar os parâmetros genéticos pelo método single-step GBLUP para as características de espessura de gordura na picanha (EGP8) e acabamento de carcaça (ACAB) em bovinos de corte da raça Nelore. A presente pesquisa foi realizada nos rebanhos da agropecuária Katayama Ltda, utilizando dados fenotípicos de 10343 animais da raça Nelore, divididos em 359 grupos contemporâneos. Do total, 3240 animais foram genotipados com chip de 35k marcadores do tipo SNP. As análises de parâmetros genéticos foram processadas através dos programas da família BLUPF90. Os resultados obtidos para os coeficientes de herdabilidade (h^2) foram de 0,30 e 0,31, para EGP8 e ACAB, respectivamente e a correlação genética obtida entre ambas foi de 0,98. Tais resultados representaram estimativas de herdabilidade moderadas, que refletem que as características em questão apresentam bom potencial de seleção genética e, que a seleção para uma delas acarretaria na seleção indireta da outra, sendo suficiente que apenas uma delas seja adotada como critério de seleção.

Palavras-chave: correlação; herdabilidade; single-step

ABSTRACT

GENETIC PARAMETER ESTIMATION VIA ssGBLUP FOR RUMP FAT THICKNESS AND CARCASS FINISHING IN NELLORE CATTLE

The estimation of genetic parameters via ssGBLUP allows the simultaneous use of pedigree information, performance data and genotypes, for a more efficient evaluation of heritability and genetic correlations of traits of economic interest. The objective of this study was to estimate the genetic parameters using the single-step GBLUP method for rump fat thickness (EGP8) and carcass finishing (ACAB) traits in Nellore beef cattle. The present research was carried out in Katayama Ltda agricultural herds, using phenotypic data from 10343 Nellore animals, divided into 359 contemporary groups. Of the total, 3240 animals were genotyped with a 35k chip SNP-type markers. The analyzes of genetic parameters were processed through the programs of the BLUPF90 family. The results obtained for the heritability coefficients (h^2) were 0.30 and 0.31, for EGP8 and ACAB, respectively, and a correlation obtained between both parts was 0.98. Such results represent a moderate heritability, which reflect that the traits in question have the potential for genetic selection, in which the selection for one of them would lead to the indirect selection of the other, being enough that only one of them is adopted as a selection criterion.

Palavras-chave: correlations; heritability; single-step

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 - Estatística descritiva dos animais da raça Nelore genotipados para as características EGP8 e ACAB	16
TABELA 2 - Estimativa dos parâmetros genéticos para características de espessura de gordura na picanha e acabamento de carcaça no gado Nelore.....	17

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ABIEC	Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne
ACAB	Acabamento de Carcaça
EGP8	Espessura de Gordura na Picanha
N	Número total de animais
N.CG	Número de Grupos de Contemporâneos
N.VACAS	Número de vacas
N.TOUROS	Número de touros
ssGBLUP	Single step GBLUP
SNP	Single Nucleotide Polymorphism

LISTA DE SÍMBOLOS

h^2	Herdabilidade
σ^2a	Variância aditiva
σ^2e	Variância ambiental
σ^2p	Variância fenotípica
rgEGP8_ACAB	Correlação Genética entre Espessura de Gordura na Picanha e Acabamento de Carcaça

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	11
2. MATERIAIS E MÉTODOS	13
3. RESULTADOS E DISCUSSÕES	15
4. CONCLUSÃO	20
5. REFERÊNCIAS.....	21

1. INTRODUÇÃO

O rebanho bovino brasileiro em 2020 atingiu a marca de 187,55 milhões de cabeças de gado, sendo que, a participação exclusivamente destinada ao corte foi de 79,76% referente ao total (ABIEC, 2021). Ainda, no mesmo ano, o país foi o maior exportador de carne bovina do mundo, totalizando 2,69 milhões toneladas equivalentes de carcaça, confirmando desta forma, não somente sua importância econômica local, mas também no cenário internacional de exportações de produtos cárneos (ABIEC, 2021).

Dentre os bovinos de corte criados no Brasil, os animais zebuínos (*Bos taurus indicus*) representam 80% da população nacional, os mesmos são conhecidos por sua adaptabilidade e resiliência em ambientes tropicais e, por isso, se adaptaram muito bem as condições regionais aqui encontradas (OLIVEIRA *et al.*, 2014). A raça Nelore por sua vez, se caracteriza por ser a mais representativa totalizando 90% entre as raças zebuínas existentes no país (LOPES *et al.*, 2021; MAGALHÃES *et al.*, 2016)

Apesar da adaptação às condições de criação, os animais da raça Nelore ainda demandam de melhorias quando se trata de índices produtivos, como características de carcaça e gordura subcutânea, visto também a importância econômica das mesmas (MEDEIROS *et al.*, 2017). Entretanto, a adoção destas características em programas de melhoramento genético no Brasil é relativamente recente quando comparado com outras, como, por exemplo, aquelas relacionadas ao crescimento (GORDO *et al.*, 2016).

A espessura de gordura medida na carcaça atua como indicativo de qualidade de carne, por estar intimamente ligada ao sabor e também a maciez deste produto. Adicionalmente, esta característica atua na proteção do músculo no processo de resfriamento de carcaça, minimizando perdas que ocorrem após o abate (MEDEIROS *et al.*, 2017). Além disso, as especificações do mercado de bovinos de corte requerem uma espessura de gordura superior à que as raças zebuínas, em média, são capazes de proporcionar, assim, indicando necessidade de esforços para a melhoria genética de tal característica (MEDEIROS *et al.*, 2017).

Neste contexto, o conhecimento dos parâmetros genéticos, envolvendo herdabilidade, componentes de variância e correlações genéticas colaboram na determinação dos objetivos de seleção, contribuindo com informações que auxiliam o

criador na tomada de decisões (LIMA *et al.*, 2019). As estimativas de herdabilidade, permitem avaliar quanto da variação fenotípica se deve a efeitos genéticos aditivos, o que atribui relação direta com os ganhos genéticos esperados ao médio e longo prazo (DORNELLES *et al.*, 2012).

Características relacionadas a qualidade da carne, como a espessura de gordura e o acabamento de carcaça, são difíceis de serem melhoradas pelo método tradicional de seleção, pois a medição é dispendiosa e por vezes requer o procedimento de abate dos animais (FABRÍCIA *et al.*, 2019). Além disso, a seleção tradicional necessita de testes de progênie para avaliação dos touros, que demanda muitos anos para obtenção dos resultados, prolongando o processo de escolha acurada de reprodutores de genética superior (GORDO *et al.*, 2016). Tendo em vista as dificuldades relatadas, a seleção que utiliza informações de genoma bovino torna-se uma alternativa viável a ser utilizada, tanto para a escolha de animais superiores, como para melhoria da confiabilidade das informações de parâmetros genéticos das características de interesse econômico.

Com esta nova ferramenta tecnológica aplicada ao melhoramento animal, além das informações fenotípicas e da genealogia, a informação genômica dos indivíduos é utilizada, permitindo a atribuição de efeitos de marcadores moleculares, o que contribui para elevar a confiabilidade da informação genética predita. Com isso, as estimativas de parâmetros genéticos e dos valores genéticos dos animais ficam mais acuradas e, por consequência, torna o processo de seleção mais preciso (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2015).

Dentre as diferentes abordagens genômicas, o método proposto por Legarra *et al.* (2009), single-step GBLUP, e aprimorado por Aguilar *et al.* (2010), permitiu a utilização conjunta de todas as informações de pedigree, genótipo e fenótipo, o que trouxe dinamismo e precisão ao sistema de avaliação genômica. Tal método tem sido adotado pelos principais programas de seleção pelo mundo, devido a sua facilidade de aplicação e rapidez na atribuição de resultados acurados. Além disso, o método ssGBLUP permite avaliar animais genotipados com animais não genotipados e demanda de menores procedimentos computacionais (LOPES *et al.*, 2021).

Com isso, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos pelo método single-step GBLUP para as características de espessura de gordura na picanha e acabamento de carcaça em bovinos da raça Nelore.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas informações fenotípicas de 10343 bovinos da raça Nelore, dentre os quais 3240 indivíduos foram genotipados com base em um painel de SNPs GGP-Indicus 35K (Neogen Company, Lansing, Michigan, USA), desenvolvido especificamente para a raça Nelore. A extração do material genético foi realizada a partir das amostras de folículos pilosos dos animais, seguindo o protocolo baseado na extração com Fenol-Clorofórmio. Consequente, as concentrações de DNA (ng/uL) juntamente com o seu grau de pureza foram determinadas por espectrofotometria. Os animais estudados nasceram entre os anos 2008 a 2016, distribuídos nos rebanhos da agropecuária Katayama Ltda, localizados nos estados de São Paulo, Mato Grosso do Sul e Mato Grosso. Os animais foram agrupados em grupos de contemporâneos que consideraram os componentes: fazenda, ano de nascimento, sexo e grupo de manejo. As características estudadas foram espessura de gordura na picanha (EGP8) e acabamento de carcaça (ACAB), medidas a partir da ultrassonografia ao sobreano (18 meses de idade). Os modelos de análise consideraram a estrutura geral a seguir:

$$Y = Xb + Za + e$$

Em que: Y é o vetor de observações fenotípicas; X é a matriz de incidência relacionando os fenótipos aos efeitos fixos, b é o vetor de efeitos fixos, incluindo grupo de contemporâneo (fazenda, safra e grupo de manejo) e, como covariáveis (efeito linear e/ou quadrático), será considerada a idade no momento da medida; Z é a matriz de incidência que relaciona o animal ao fenótipo; a é o vetor de efeitos dos animais; e é o vetor de efeitos residuais. As variâncias de a e são representados por:

$$\text{Var} [\mathbf{a} \ \mathbf{e}] = \begin{bmatrix} H\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Em que: σ_a^2 é a variância genética aditiva direta e σ_e^2 é a variância residual. H é a matriz que combina a matriz de pedigree e a matriz de informação genômica, conforme apresentado por (AGUILAR *et al.*, 2010). I é uma matriz identidade. A inversa da matriz H é:

$$H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & G^{-1} - A_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

Em que: A é matriz de pedigree para todos os animais, A_{22} é a matriz de parentesco para animais genotipados e G é a matriz de parentesco genômico.

O controle de qualidade das informações genótípicas foi determinado pela taxa de determinação de genótipos (*call rate*), considerando valores abaixo de 0,90 (90% dos genótipos determinados), além de SNPs não autossômicos, SNP com a mesma posição, MAF (menor frequência alélica) $\leq 0,02$, p valor para HWE (Hardy-Weinberg equilibrium) $\leq 10^{-5}$, Call rate $\leq 0,90$, r^2 (correlação entre SNPs) $> 0,995$ com SNPs adjacentes em uma janela de 100 SNPs, resultando em apenas um marcador de cada par de SNPs altamente correlacionados. Estes critérios, além das análises de parâmetros genéticos foram realizados por meio da metodologia do single-step (ssGBLUP), processados, através dos programas da família BLUPF90, usando o pacote AIREMLF90 que corresponde ao procedimento de máxima verossimilhança restrita de informação média, utilizados para estimar os componentes de variância e herdabilidade (MISZTAL *et al.*, 2015).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estatísticas descritivas são apresentadas na tabela 1. As informações referentes à espessura de gordura na picanha (EGP8) e acabamento de carcaça (ACAB) foram obtidas através de 10.343 animais, separados em 359 grupos de contemporâneos, originados de 5026 vacas e 382 touros.

A média obtida para medida de EGP8 e ACAB foi de $3,49 \pm 1,91$ e $3,46 \pm 1,83$, respectivamente (Tabela 1). Bonamy *et al.* (2018) apresentaram média de $4,61 \pm 2,44$ e $3,08 \pm 1,75$ para EGP8 e ACAB respectivamente também para bovinos da raça Nelore. Assim como para Martins *et al.* (2020) em estudo com a mesma raça, relatou médias de $3,11 \pm 1,47$ e $4,55 \pm 1,95$ para EGP8 e ACAB respectivamente. Ressaltando que ambos os estudos descritos utilizaram da metodologia genômica ssGBLUP.

TABELA 1 – Estatística descritiva dos animais da raça Nelore genotipados para as características EGP8 e ACAB.

	N	MÉDIA±D.P.	N.TOUROS	N.VACAS	N.CG
EGP8	10343	3.49±1.91	382	5026	359
ACAB	10343	3.46±1.83	382	5026	359

EGP8=espessura de gordura subcutânea. ACAB=acabamento de carcaça. N=número de animais. MÉDIA= média obtida por medida. DP= desvio padrão. N.TOUROS= número de touros. N.VACAS= número de vacas. N.CG= número de grupos de contemporâneos.

Fonte: A autora.

A partir das informações genômicas obtidas no presente estudo, foram estimados os parâmetros genéticos de herdabilidade e correlação. Na tabela 2 encontram-se as estimativas de variância aditiva (σ^2_a) de 0,37 e 0,31 para EGP8 e ACAB, respectivamente, variância ambiental (σ^2_e) de 0,85 e 0,70 para EGP8 e ACAB, respectivamente e variância fenotípica (σ^2_p) apresentando valores de 1,22 e 1,01 para EGP8 e ACAB respectivamente. Valores semelhantes foram descritos por Martins *et al.* (2020), denotando-se que para variância aditiva foi de 0,37 e 0,15 para EGP8 e ACAB respectivamente, em relação a variância ambiental foi de 0,85 e 0,42 para EGP8 e ACAB, respectivamente e em seguida para variância fenotípica de 1,22 e 0,57 para EGP8 e ACAB, respectivamente. As variâncias são primordiais para obtenção dos parâmetros herdabilidade e correlação, denota-se que tais variâncias tenderam a

ser maior para EGP8 do que para ACAB, refletindo que EGP8 apresenta maior dependência de fatores ambientais, que por sua vez, acarreta em maior variância fenotípica (YOKOO *et al.*, 2015).

Além disso, são demonstrados os valores de herdabilidade, em que se obteve maior valor para ACAB (0,31) do que para EGP8 (0,30) mesmo que de forma sutil. Ressalta-se que ambas apresentaram resultados de moderada magnitude. Tendo em vista que a estimativa de herdabilidade moderada varia de 0,20 a 0,39 (BOURDON *et al.*, 1997). Tal parâmetro destaca o potencial das características de serem incorporadas no rebanho e de resposta a seleção (LOPES *et al.*, 2021; MARTINS *et al.* 2020). Também é representada a correlação genética entre elas (rg EGP8_ACAB) de 0,98, indicando que são fortemente correlacionadas.

TABELA 2 - Estimativa dos parâmetros genéticos para características de espessura de gordura na picanha e acabamento de carcaça no gado Nelore.

	σ^2_a	σ^2_e	σ^2_p	h^2	EP	rg EGP8_ACAB
EGP8	0,37	0,85	1,22	0,3	0,02	
ACAB	0,31	0,7	1,01	0,31	0,02	0,98

EGP8= espessura de gordura na picanha. ACAB= acabamento de carcaça. σ^2_a = variância aditiva.

σ^2_e = variância ambiental. σ^2_p = variância fenotípica. h^2 = herdabilidade. EP= erro padrão. rg

EGP8_ACAB= correlação genética entre espessura de gordura na picanha e acabamento de carcaça.

Fonte: A autora.

As herdabilidades moderadas relatadas, refletem que as características sofrem influência do ambiente, entretanto, apresentam contribuição genética considerável, em relação a variação total das características (MEHDI *et al.*, 2013), sendo que tais valores representam quanto da variação fenotípica é devido a variação genética. De maneira objetiva denota-se que 30-31% da característica é atribuível as diferenças genéticas nos mesmos, correspondendo à proporção que serão transmitidas diretamente de uma geração para outra (BERRY *et al.*, 2017)

Para característica espessura de gordura na picanha, o valor apresentado de 0,30 é maior que aqueles relatados para raça Nelore por Buzanskas *et al.* (2017) de 0,19. É demonstrado na literatura também para gado Nelore valor superior por Bonin *et al.* (2015) de 0,47. A diferenciação dos valores de herdabilidade se refere ao fato da mesma não ser um parâmetro constante, podendo variar com o tempo, seleção,

manejo, ambiente, métodos de seleção, entre outras, assim variando entre populações e espécies (YOKOO *et al.*, 2007; MAGALHÃES *et al.*, 2017). Sugerindo que a herdabilidade em uma população não relata, em teoria, a mesma herança em outra população. (VISSCHER *et al.*, 2008).

Todavia, ressaltando que são observados na literatura resultados de herdabilidade semelhantes entre populações da mesma espécie, ou até mesmo de outra espécie (VISSCHER *et al.*, 2008), como nos resultados descritos por Bonamy *et al.* (2018), Martins *et al.* (2020) e Neto *et al.* (2017), os quais observaram herdabilidades de 0,34, 0,30 e 0,29, respectivamente. Ambos os estudos fizeram uso da abordagem genômica ssGBLUP, sugerindo assim, que ao englobar informações genômicas juntamente à matriz de pedigree tradicional, acarreta em maior precisão das estimativas genéticas (GORDO *et al.*, 2016)

Para característica acabamento de carcaça, em que foi obtido valor de 0,31 em nossos achados, em estudo Zuin *et al.* (2012) os autores relataram herdabilidade de 0,21, com magnitude moderada, mas que devido ao desvio da mesma ($\pm 0,03$) mostrou-se potencialmente de magnitude baixa a moderada. Valores acima foram relatados por Bonin *et al.* (2015) de 0,44, visto que a variação na herança de características de carcaça na raça Nelore pode ser justificada pela intensidade de seleção praticada no estudo descrito. Além disso, valores de herdabilidade mais altos correspondem a maior proporção da expressão fenotípica da característica atribuída a variância genética. Assim como para característica de espessura de gordura na picanha, as variações nos valores de herdabilidade também podem ser justificadas pela diferenciação entre populações (YOKOO *et al.*, 2007; MAGALHÃES *et al.*, 2017). As mudanças ocorrem devido ao fato que variações aditivas, não aditivas e ambientais são de populações específicas, e que a variância genética depende da segregação em uma população de alelos que influenciam em determinada característica, além do tamanho dos efeitos das variantes e o modo de ação dos genes (VISSCHER *et al.*, 2008)

Um valor muito semelhante ao estimado no presente estudo de 0,31 para ACAB foi relatado por Silva *et al.* (2017) de 0,28, também utilizando a abordagem ssGBLUP. Reafirmando mais uma vez, que o modelo estatístico teve influência nos valores obtidos (GORDO *et al.*, 2016). Foi encontrado no presente estudo correlação genética entre espessura de gordura na picanha e acabamento de carcaça de alta magnitude,

0,98, isso reflete a força da relação linear entre as duas, devido as suas influências genéticas subjacentes (BERRY *et al.*, 2017), tal parâmetro caracteriza até que ponto elas apresentam um fundo genético comum podendo ser parcialmente devido ao desequilíbrio de ligação entre os genes, parcialmente devido a pleiotropia. (ÅKEESSON *et al.*, 2008). Valores elevados como o observado sugerem o nível de similaridade nos mecanismos genéticos (BOLIGON *et al.*, 2013), uma vez que tais resultados já eram esperados por apresentarem características de tecido semelhantes (BUZANSKAS *et al.*, 2016). A partir da alta correlação também podemos demonstrar que a seleção para EGP8 acarretaria em seleção para ACAB e vice-versa, proporcionando a vantagem de que apenas uma delas necessitaria ser incluída em programas de seleção genética, ou seja, pode ser realizada a seleção indireta das mesmas (AMARAL *et al.*, 2014 ; GATHURA *et al.*, 2020).

Gordo *et al.* (2012) relatou correlação de 0,69 para característica espessura de gordura na picanha e acabamento de carcaça no gado Nelore, entretanto, ele pondera que há necessidade da inclusão de ambas características no processo de seleção devido à falta de uniformidade da característica relacionada a acabamento de carcaça, entretanto, essa ponderação pode ser justificada pela correlação relatada pelos autores não ter sido tão elevada quanto a relatada no presente estudo, apesar ainda de ser uma correlação alta como pode ser observada.

A partir disso pode-se complementar que mesmo que elas apresentam alta correlação, ou que apenas uma delas necessite ser incluída no processo de seleção elas não podem ser consideradas as mesmas características, pois diferem no local de deposição de gordura (SILVA *et al.*, 2017). Há também mudanças de regiões genômicas que vão influenciá-las. Os genes que atuam depositando lipídeos nem sempre são os mesmos, visto que a metilação depende dos locos genômicos. Vale ressaltar que as características de interesse econômico são governadas por muitas variantes de pequenos efeitos, indicando a presença de efeitos poligênicos (SILVA *et al.*, 2017).

Foi demonstrado na literatura correlação entre as características mencionadas, por Kluska *et al.* (2018) de 0,74, o que indica alta correlação genética, mas ainda inferior a relatada no presente estudo. A mesma situação se aplica a Caetano *et al.* (2013), onde os autores relatam correlação entre as características de 0,64, também de alta magnitude, mas as diferenças são observadas devido à diferenciação do

método estatístico utilizado, não fazendo uso da abordagem ssGBLUP. Neste contexto, observa-se que os valores referentes as herdabilidades e as diferenças nos modelos estatísticos podem resultar em correlações genéticas distintas.

Valores semelhantes aos obtidos neste estudo foram relatados por GRIGOLLETO *et al.* (2020) (0,97). O valor obtido foi decorrente de animais da raça Montana utilizando também a abordagem genômica. Observou-se que o estudo presente, assim como os da literatura que fizeram uso da abordagem ssGBLUP apresentaram valores semelhantes ou iguais de parâmetros genéticos. Tal fato pode ser justificado por Gordo *et al.* (2016), qual relatou que ao substituir a matriz tradicional pela matriz genômica junto a mesma, observou melhores precisões das características de carcaça em aproximadamente 17% em machos Nelore jovens.

Outra possível justificativa pode vir a ser, que a inclusão de informações genômicas na matriz de relacionamento possa ter contribuído para corrigir a matriz tradicional, obtendo uma maior proporção da variância genética. Pode-se constatar que, a inclusão de informações genômicas é uma maneira promissora de atingir uma precisão aceitável de previsões de parâmetros genéticos, circunstância relevante quando se trata de situações que os registros fenotípicos são limitados ou ausentes para uma das características que apresentam alta correlação, como no caso de EGP8 e ACAB, de maneira que esta abordagem também pode ser utilizada para animais jovens em programas de avaliação genética (MEHRBAN *et al.*, 2019). A utilização de animais mais jovens geneticamente superiores acarretaria na diminuição de intervalo de gerações denotando maior intensidade de seleção dentro dos rebanhos (NETO SILVA *et al.*, 2020).

4. CONCLUSÃO

Devido a utilização do método ssGBLUP pode-se afirmar que os parâmetros genéticos estimados apresentaram melhores coeficientes de herdabilidade e correlação genética. As estimativas obtidas corroboram com a tese de que características avaliadas podem ser utilizadas como critério de seleção na raça Nelore. Por fim, devido a elevada correlação genética entre EGP8 e ACAB, recomenda-se a utilização de apenas uma das características como critério de seleção, visto que a seleção de uma resultará em seleção indireta da outra.

REFERÊNCIAS

- ABIEC, Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne, 2021.
- AMARAL, R. S., et al. Tendências, parâmetros fenotípicos e genéticos de características de crescimento em bovino Nelore mocho do Nordeste Brasileiro. **Revista Brasileira de Saúdede Produção Animal**, v. 15, n. 2, p. 261-271, 2014.
- AGUILAR, I., et al. Hot topic: a unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, andgenomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **Journal of dairy science**, v. 93, n. 2, p. 743-752, 2010.
- ÅKESSON, M., et al. Estimating Heritabilities and Genetic Correlations: Comparing the 'Animal Model' with Parent-Offspring Regression Using Data from a Natural Population. **PLOS ONE**, v. 3, n. 3, p 1-10. 2008.
- BERRY, D. P., et al. Animal breeding strategies can improve meat quality attributes whitinentire populations. **Meat Science**, v.132, p. 6-18, 2017.
- BOLIGON, A. A., et al. Parâmetros genéticos para diferentes relações de peso ao nascer eã desmama em vacas de raça Nelore. **Ciência Rural**, v.43, n. 4, p. 676-681, 2013.
- BONAMY, M. et al., Genetic association between different criteria to define sexual precocious heifers with growth, carcass, reproductive and feed efficiency indicator traits in Nellore cattle using genomic information. **Journal of Animal breeding and Genetics**. v. 138, n.3, p. 360-378, 2020.
- BONIN, M. N., et al. Visual body-scores selection and its influence on body size andultrasound carcass traits in Nellore cattle. **Journal of Animal Science**. v. 93, n. 12, p.5597-5606, 2015.
- BOURDON, R. M., **Understanding Animal Breeding**. 2. Ed. Upper Saddle River, NJ : Prentice Hall, 1997.
- BUZANSKAS, M.; et al. Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelorebeef cattle. **Theriogenology**, v. 92, p. 204-209, 2016.
- CAETANO, S. L., et al. Estimates of genetic parameters for carcass, growth and reproductive traits in Nellore cattle. **Livestock Science**, v. 155, n. 1, p. 1-7, 2013.
- DORNELLES, M. D. A., et al. Genetic parameters and genetic and phenotypic trends of performance traits of equines from the Brazilian Army. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.41, n. 6, p. 1419–1425, 2012.
- FABRÍCIA, A., et al. Genomic selection for meat quality traits in Nelore cattle. **Meat Science**, v. 148, p. 32–37, 2019.

GATHURA, D. M., et al. Meta- analysis of genetic parameters for traits of economic importance for beef cattle in the tropics. **Livestock Science**, v.242, p. 1-24, 2020.

GORDO, D. G. M., et al. Genetic Association between body composition mesuared by ultrasound and visual scores in Brazilian Nelore cattle. **Journal of Animal Science**. v. 90, n. 12, p. 4223-4229, 2012.

GORDO, D. G. M., et al. Genetic parameter estimates for carcass traits and visual scores including or not genomic information. **Journal of Animal Science**, v. 94, n. 5, p. 1821–1826, 2016.

GRIGOLLETO, L., et al. Genetic Architecture of Carcass and Meat Quality Traits in Montana Tropical Composite Beef Cattle. **Frontiers in Genetics**. v. 11, n.123, p. 1-13,2020.

KLUSKA, S., et al. Estimates of genetic parameters for growth, reproductive, and carcass traits in Nelore cattle using the single step genomic BLUP procedure. **Livestock Science**.v. 216, p. 203-2019, 2018.

LEGARRA, A.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. **Journal of dairy science**, v. 92, n. 9, p. 4656-4663, 2009.

LIMA, B. M. D., et al. Quantitative genetic parameters for growth and wood properties inEucalyptus “ urograndis ” hybrid using near-infrared phenotyping and genome-wide SNP-based relationships.**PLOS ONE**, v. 14, n. 6, p. 1–24, 2019.

LOPES, F. B., et al. Genome-enabled prediction of meat and carcass traits using Bayesian regression single-setp genomic best linear unbiased prediction and blending methods in Nelore cattle. **Animal**, v. 15, n. 1, p. 1-7, 2021.

MAGALHÃES, A. F. B., et al. Genome-Wide Association Study of Meat Quality Traits inNelore Cattle. **PLOS ONE**, v. 11, n. 6, p. 1-12, 2016.

MEDEIROS, R., et al. Genome-Wide Association Study for Carcass Traits in an Experimental Nelore Cattle Population. **PLOS ONE** , v. 12, n.1, p. 1–14, 2017.

MEHDI, S., et al. Genome-wide association analyses for carcass quality in crossbred beefcattle. **BMC Genetics**, v.14, n. 80, p.1-10, 2013.

MEHRBAN, H., et al. Comparison of conventional BLUP and single-step genomic BLUPevaluations for yearling weight and carcass traits in Hanwoo beef cattle using single traitand multi-trait models. **PLOS ONE**, v. 14,n. 10, p. 1-13, 2019.

MEUWISSEN, T.; HAYES, B.; GODDARD, M. Genomic selection : A paradigm shift in animal breeding. **Animal Frontiers**, v. 6, n. 1, p. 6–14, 2015.

MISZTAL, I., et al. Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia, USA. 2015. Disponível em: http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf. Acesso em: 09 out. 2020.

NETO, J. B. S., et al. Genetic correlation estimates between age at puberty and growth, reproductive, and carcass traits in young Nelore bulls. **Livestock Science**. v. 241, p. 1-24, 2020.

OLIVEIRA, P. S. N. D., et al. Identification of genomic regions associated with feed efficiency in Nelore cattle. **BMC Genetics**, v. 100, n. 15, p. 1–10, 2014.

MARTINS, R., Genome-wide association study and pathway analysis for fat deposition traits in nellore cattle raised in pasture-based systems. **Journal of Animal Breedings and Genetics**. v. 138, n. 3, p. 360-378, 2020.

SILVA, R. M. O., et al. Genome-Wide Association Study for Carcass Traits in an Experimental Nelore Cattle Population. **PLOS ONE**, v. 12, n. 1, p. 1-14, 2017.

VISSCHER, P. M., et al. Heritability in the genomics era – concepts and misconceptions. **Nature Reviews Genetics**. v. 9, p. 255-266, 2008.

YOKOO, M. J. I., et al. Estimativas de parâmetros genéticos para altura posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.36, n. 6, p. 1761-1768, 2008.

YOKOO, M. J., et al. Genetic correlation of traits measured by ultrasound at yearling and 18 months of age in Nellore beef cattle. **Livestock Science**. v. 180 p. 34-40, 2015.

ZUIN, R., G., et al. Genetic analysis on growth and carcass traits in Nelore cattle. **Meat Science**. v. 31, n. 3, p. 352-357, 2012.